



La nature de la ration modifie le transcriptome adipeux de chèvres en lactation

Yannick Faulconnier, Sébastien Bes, Jordann J. Domagalski, Yves Y. Chilliard, Christine Leroux

► To cite this version:

Yannick Faulconnier, Sébastien Bes, Jordann J. Domagalski, Yves Y. Chilliard, Christine Leroux. La nature de la ration modifie le transcriptome adipeux de chèvres en lactation. 21. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, Dec 2014, Paris, France. Institut de l'Elevage - INRA, Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, pp.1, 2014, 21èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. hal-02739802

HAL Id: hal-02739802

<https://hal.inrae.fr/hal-02739802>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

La nature de la ration modifie le transcriptome adipeux de chèvres en lactation

The type of diet modifies transcriptomic profile of adipose tissues in lactating goats

FAULCONNIER Y. (1), BES S. (1), DOMAGALSKI J. (1), CHILLIARD Y. (1), LEROUX C. (1)

(1) Equipe AGL, INRA, UMR1213 Herbivores, F-63122 Saint-Genès-Champanelle, France

INTRODUCTION

Chez les ruminants, l'un des rôles principaux du tissu adipeux (TA) est de constituer des réserves corporelles utilisables par l'animal. Pour ce faire, les TA sont le lieu de synthèse des acides gras et de leur stockage sous forme de triglycérides. Les adaptations métaboliques des TA sont étroitement liées aux variations du bilan énergétique des animaux (Chilliard *et al.*, 2000) mais aussi sous dépendance de la nature de la ration de base. Dans le but d'améliorer nos connaissances sur les mécanismes moléculaires responsables des effets de l'alimentation (selon la nature du fourrage et du niveau de concentré) sur le métabolisme (mobilisation et/ou stockage des réserves corporelles) et le fonctionnement du TA, nous avons entrepris une étude de nutriginomique sur deux sites de TA. L'objectif de cette étude était d'évaluer l'impact d'un régime à base d'ensilage de maïs (EM) comparativement à un régime à base de foin de prairie naturelle et de concentré (C-FPN) sur les profils d'expression de gènes dans les tissus adipeux de chèvres en lactation.

1. MATERIEL ET METHODES

Dix chèvres en lactation (51 ± 11 d postpartum) de race Alpine ont été réparties en deux lots recevant 2 régimes différents iso énergétiques [C-FPN ou EM] distribués pour couvrir les besoins des animaux pendant 4 semaines. Des tissus adipeux omental (TAOM) et périrénal (TAPR) ont été collectés, après le sacrifice des animaux, afin de préciser leur profil d'expression génique. L'analyse du transcriptome a été réalisée après rétro-transcription en présence de traceurs fluorescents (Cy3 et Cy5) selon un protocole de marquage direct (Pronto Plus, Promega), par hybridation en configuration dye-swap sur des oligoarrays (8 379 sondes géniques bovines) (Faulconnier *et al.*, 2011). L'analyse statistique des données transcriptomiques a été réalisée sur des données normalisées par un test de student suivi d'une correction Benjamini & Hochberg à 10%. Des validations par RT-PCR quantitative en temps réel ont été effectuées ainsi que des quantifications d'ARNm de gènes du métabolisme des lipides (Bernard *et al.*, 2005 ; Bonnet *et al.*, 2013).

2. RESULTATS

Les chèvres ont produit $2,7 \pm 0,5$ kg de lait (à 3,5% de matière grasse) avec le régime C-FPN et $3,4 \pm 0,4$ kg de lait avec le régime EM. Elles ont, par ailleurs, eu des bilans énergétiques comparables ($0,26 \pm 0,23$ et $0,10 \pm 0,12$ UFL/jour/animal respectivement avec le régime C-FPN et EM). L'étude transcriptomique montre que le régime à base d'EM comparativement au régime C-FPN altère l'expression de 403 gènes dans le TAOM et 70 gènes dans le TAPR. Parmi ces gènes différentiellement exprimés, 208 et 195 étaient respectivement sous et sur-exprimés dans le TAOM alors que 38 et 32 étaient respectivement sous et sur-exprimés dans le TAPR chez ces chèvres. La comparaison des 2 sites de TA a révélé 28 gènes présentant un profil d'expression identique (Figure 1). Des validations par RT-PCR des résultats de l'analyse différentielle des transcriptomes ont été réalisées et 10 gènes présentent les mêmes tendances pour les 2 méthodes (*GDPD1*, *M1D1P1* et *VNN1* pour les 2 TA, *KIAA1524*, *PIK3CD*, *ACLY* et *PSTK* pour le TAOM et *ACSL1*, *RBP4*, et *SCD1* pour le TAPR). L'ensemble des gènes a été réparti d'après les annotations de l'ontologie des gènes dans 9 catégories selon le

processus biologique dans lequel ils sont impliqués. Cette répartition est similaire dans les 2 sites de TA. La classe correspondant au métabolisme lipidique est constituée notamment de gènes impliqués dans la synthèse d'acides gras (*ACLY*) et de triglycérides (*DGPD1*, *DGAT1*, *AGPAT1*), la désaturation (*SCD1*), l'élongation des acides gras (*ACSL1*) ou le transport des lipides (*GOT2*). L'étude ciblée sur l'expression de gènes candidats du métabolisme des lipides a montré que le régime EM (comparativement au régime C-FPN) ne modifie pas de façon significative les taux d'ARNm des gènes *LPL*, *FASN*, *ACACA*, *ME*, *G6PD*, *SCD5*, *GPD1*, *PPARG1*, *FABP4*, *LIPE*, *PNPLA2*, *AZGP1* dans les deux TA, en accord avec les faibles différences de bilan énergétique des chèvres. Toutefois, le régime EM diminue dans le TAOM, les taux d'ARNm du gène *CD36* (-29 %) impliqué dans le transport et la captation des lipides et dans le TAPR celui du gène *GPAM* (-43 %) impliqué dans la synthèse des triglycérides (Figure 2).

3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Cette étude montre, pour la première fois, des profils d'expression génique différents dans les TA de chèvres selon qu'elles reçoivent un régime à base de foin de prairie naturelle et riche en concentré ou un régime à base d'ensilage de maïs. L'exploitation bio-informatique et bibliographique de certains gènes différentiellement exprimés devrait nous permettre de mieux identifier les mécanismes de régulation nutritionnelle du métabolisme du TA et d'en mieux comprendre le fonctionnement chez l'animal en lactation.

Les auteurs remercient le personnel de l'UE Ruminants – Theix pour son aide durant cette expérimentation

Bernard L., *et al.*, 2005. J. Dairy Res. 72, 250–255

Bonnet *et al.*, 2013. Animal 7, 1344–1353

Chilliard Y. *et al.*, 2000. Proc. Nutr. Soc. 59 :127-134

Faulconnier Y., *et al.*, 2011. Comp. Bioch. Physiol., Part D, 139–149.

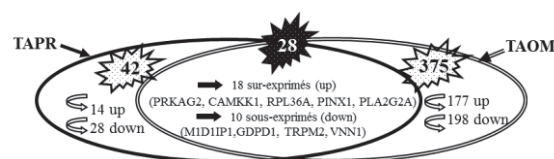


Figure 1 : Effet global du régime sur les profils d'expression génique adipocytaire chez la chèvre en lactation

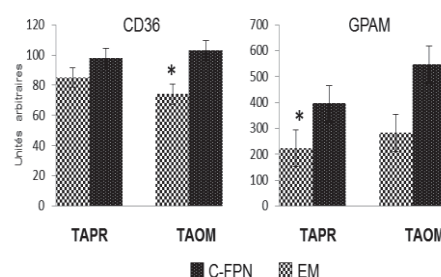


Figure 2 : Effet du régime sur l'expression des gènes *CD36* et *GPAM* (* : $P < 0,05$)